

FILOGENIA E FILOGEOGRAFIA DO SUBGÉNERO *NARCISSUS* L.

João Paulo Dias Correia da Fonseca

Doutoramento em: Biologia

Orientador: José Carlos Augusta da Costa - Professor auxiliar com agregação

Coorientador: Vitor Manuel Carvalho Almada. Professor catedrático no ISPA - Instituto Universitário Ciências Psicológicas, Sociais e da Vida

Provas concluídas em: 2014

RESUMO

Neste trabalho foram analisadas a filogenia e a filogeografia do subgénero *Narcissus* L. (*Amarilidaceae*) recorrendo à genética molecular. Foram sequenciados 6 fragmentos cloroplásticos: trnL-F, matk, dois fragmentos não sobreponíveis de nadhf, rbcl, e rps16 e dois fragmentos nucleares: parte do ADN ribossómico e uma Dead/deah box ARN helicase. Foram estudadas 121 populações de *Narcissus*, representando 55 taxa, colhidos em Portugal, Espanha, Marrocos e Andorra. As sequências foram analisadas através de máxima parcimónia, inferência bayesiana e máxima verossimilhança. Os resultados foram comparados com as propostas taxonómicas existentes. Esta análise indicou que muitas das espécies propostas na bibliografia não são válidas e que o subgénero *Narcissus* sofreu uma intensa inflação taxonómica, em resultado da sobrevalorização de pequenas variações morfológicas. Noutros casos, os resultados validaram alguns taxa como verdadeiras espécies. Os dados recolhidos indicam ainda a origem híbrida de vários taxa e, em alguns casos, permitiram indicar prováveis espécies ancestrais. A análise das sequências de ADN cloroplástico através de uma rede de haplótipos de parcimónia indicou que muitas das mais importantes linhagens deste subgénero se diferenciaram no Sul da Península tendo migrado posteriormente para Norte ou Leste. Foi ainda analisada a morfologia floral das secções *Jonquillae* e *Juncifolii*, discutindo-se os problemas de identificação.

Palavras chave: Sistemática, biogeografia, evolução, hibridação, ADN.

ABSTRACT

We analyzed the phylogeny and phylogeography of the subgenus *Narcissus* L. (*Amarilidaceae*) through molecular genetics. Six chloroplastic fragments were sequenced: trnL-F, matk, two non-overlapping fragments of nadhf, rbcl, and rps16, and two nuclear fragments: partial ribosomal DNA and a Dead/deah box RNA helicase. We

studied 121 populations of *Narcissus*, representing 55 taxa, collected in Portugal, Spain, Morocco and Andorra. The sequences were analyzed using maximum parsimony, maximum likelihood and bayesian inference. The results were compared with previous taxonomical proposals. This analysis indicated that many of the species proposed in the literature are not valid and that the subgenus *Narcissus* suffered an intense taxonomic inflation as result of the overemphasis of small morphological differences. In other cases, the results validated some taxa as true species. Our data also indicate the hybrid origin of some taxa and, in some cases, permitted the identification of the putative ancestral species. The analysis of chloroplastic DNA sequences through a haplotype network indicated that most of the lineages were differentiated in Southern Iberia and thereafter migrated north or east. We also analyzed the floral morphology of the sections *Juncifolii* and *Jonquillae*, and discussed the identification problems.

Keywords: Systematics, biogeography, evolution, hybridization, DNA.